



TITLE:

はじめに : 集団生物学と統計物理学  
(集団生物学の理論的研究, 研究会報告)

AUTHOR(S):

松田, 博嗣

---

CITATION:

松田, 博嗣. はじめに : 集団生物学と統計物理学(集団生物学の理論的研究, 研究会報告). 物性研究 1983, 40(1): 128-129

ISSUE DATE:

1983-04-20

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/90880>

RIGHT:

## はじめに——集団生物学と統計物理学

九大・理・生物 松 田 博 嗣

集団生物学も統計物理学も、その理論はミクロとマクロの橋渡しによって諸現象の記述、説明さらに予測可能性を得ることを目指しており、この点両者は規を一にする研究分野である。しかし、生物、無生物の差や、注目する現象の時間的、空間的スケールの差異のみならず、研究の系統発生的相違によって、やゝもすれば包括的視野が遮げられているのが現状のように思われる。現象を深く究めることによって統一的理解へと進もうとする研究は、物理学の本領とする所であって、基研において本研究会を提案した由縁もここにある。

このような考え方についての私見は、すでに多少とも紹介済<sup>1)–3)</sup>であるので、関心のある方はそれを参照して頂くこととし、ここでは、生物種の系図や、系図上での変化を問題とする進化学と、生物集団での遺伝子頻度の変化を問題とする集団遺伝学との関連が、物質を相互作用する粒子系として捉える統計力学と、相互作用の源を追求する電子論との関連と類似の情況をもつことを指摘するに止める。

よく知られているように、分子を量子力学で扱う際、Born-Oppenheimer 近似により断熱ポテンシャルが求められ、電子の自由度が消去される。また、分子間力に関して、Hellman-Feynman 定理が成立つ。これと同様に、生物進化は究極的には生物集団の遺伝的構成の変化によるものであって、集団遺伝学はそれを研究する学問であるが、突然変異率、淘汰係数など、集団レベルでのミクロの量から、何万年というような長い時間スケールで起る進化学的にマクロの量を直ちに導くことは必ずしも得策ではなく、統計力学と電子論との関連におけるように、階層に応じた研究の分離と、異なる階層をつなぐ一般的論理の追求がむしろ望ましい。

複製によって生まれ、やがて死ぬと考えられる対象物を一般にレプリコンと呼ぶことにすると、粒子の集団に対して統計物理学があるように、レプリコンの集団に対して集団生物学がある。各レプリコンは特定の状態にあり、複製を通じて生ずる親子関係において、親子の状態が異なるときは、子レプリコンを変異体と呼ぶ。始祖レプリコンより各レプリコンに到る系図上での変異体の数を当該レプリコンの進化ステップ数と呼び、時刻  $t$  で生存するレプリコン集団の平均進化ステップ数を  $\bar{n}$  とすると、 $v \equiv d\bar{n}/dt$  は進化速度である。集団中で状態  $\sigma$  なるレプリコンの数を  $N_\sigma$  とすると、その時間変化は、純増殖率、突然変異率を、それぞれ、 $m_\sigma$ ,  $\mu_{\sigma\sigma'}$  とし、

$$\frac{dN_\sigma}{dt} = m_\sigma N_\sigma + \sum_{\sigma'} \mu_{\sigma\sigma'} N_{\sigma'} \quad (1)$$

と書かれるが、全突然変異率  $\mu \equiv \sum_{\sigma(\neq\sigma')} \mu_{\sigma\sigma'}$  が  $\sigma'$  によらぬ定数で、 $\{m_\sigma\}$  は  $\sigma$ ,  $t$  には依存してもよいが、 $\mu$  にはよらぬとすると、

$$v/\mu = 1 + \partial \bar{m} / \partial \mu \quad (2)$$

であることが証明される<sup>4)</sup>。ただし、 $\bar{m}$  は  $m_\sigma$  の集団平均である。進化速度  $v$  は進化学レベルではミクロの量であり、 $\bar{m}$  は集団レベルではマクロの量であって、このように2つのレベルの量がかなり一般的に結びつけられるのは興味深い。これに基づく研究の進展を期待したい。

- 
- 1) 松田博嗣：数理科学 178 (1978), 33.
  - 2) 松田博嗣・石井一成：生物集団と進化の数理 (岩波書店, 1980)
  - 3) 松田博嗣：日本物理学会誌 37 (1982), 368.
  - 4) K. Ishii, H. Matsuda and N. Ogita: J. Math. Biol. 14 (1982), 327.

## 生物集団の遷移

立命館大・理工 中 島 久 男

今世紀において V. Volterra, A. J. Lotka 等によって始められた生態系の数理的取り扱いは、その後も多くの研究者によって解析され発展してきているが、それらの研究を概観してみると、問題を扱う方法や観点において二つの異った立場がある。一つは力学的方法といわれるもので、系を構成する各生物種の個体数 (個体群密度) を系の状態変数にとり、その時間的变化を多くの場合、非線型連立微分方程式を用いて記述し、平衡点の力学的安定性、周期解の存在などを考察し、種々の生態系の現象を説明するものである。もう一方、この力学的方法とは別に、生態系の個々の生物種の性質を問題にするのではなく、系全体としての種々の生物学的量 (例えば系内の生体エネルギーの流れや、系の多様度等) を用いて、生物現象の一般的な性質を導いたり、それらの量の性質から、生物現象の説明をする試みがなされている。

生態系において、各々の生物種の個体数が変動する時間スケールよりもっと長い時間スケールの現象として、遷移や進化の過程がある。それらの過程における変化の方向性と、上に述べ